

PERSPECTIVES ET CARACTÉRISATION DES SNP DANS LES ÉTIQUETTES DE SÉQUENCES EXPRIMÉES (EST) À PARTIR DE L'INTERACTION *THEOBROMA CACAO* - *MONILIOPTHORA* *PERNICIOSA*

L. S. L. Lemos^{1,2}; K. P. Gramacho¹; J. L. Pires¹; R. S. Ganem¹; R. M. F. Santos¹ et F. Micheli^{2,3}

¹ INIA - CIGRPEC/SEMIT, Rodovia Ilhéus- Itabuna, km22, cx Postal 07, Ilhéus-BA, 45600-970, Brésil

² UESB, Rodovia do Aracaju, km 16, s/n, CEP 47500-000, UESB, Ilhéus, Bahia, Brasil
³ UFRPA, Rua 2 de Julho, s/n, CEP 45600-000, UFRPA, Ilhéus, Bahia, Brasil

E-mail:

RÉSUMÉ

Moniliophthora (ex *Crinipellis*) *perniciosa* (Stahel) Singer (Aïme et Phillips-Mora, 2005) est un basidiomycète hémibiotrophe (*Theobroma cacao* L.), responsable de la maladie des balais de sorcières (WBD) sur les cacaoyers (*Theobroma cacao* L.). Étant donné l'importance des impact socio-économiques et environnementaux de la WBD sur les plantations cacaoyères dans la région de Bahia au Brésil, plusieurs études de génomique fonctionnelle sur l'interaction cacao-*Moniliophthora perniciosa* ont été réalisées (Gesteira et al. 2007; Argout et al. 2008, projets CEPLAC subventionnés par le FAPESB et CNPq). Ces programmes ont permis l'identification d'EST participant à la résistance du cacaoyer à la WBD, en fournissant un contexte pour détecter les marqueurs de polymorphisme (par ex. SNP) nécessaires pour des études supplémentaires comme des stratégies de sélection génétique, un pyramidage des gènes et une sélection assistée par marqueurs (MAS). Nous rendons compte de la recherche, de la validation et de la caractérisation de polymorphismes de nucléotides simples (SNP) dans les EST de l'interaction cacao - *Moniliophthora perniciosa* en utilisant le reséquençage de 73 gènes candidats dans des individus Sca 6, ICS 1, TSH 516 et 68 de la F₂. Cette analyse a permis l'identification de 185 SNP, dont 57 % correspondent à des cas de transversion, 29% de transition et 14 % à des « indels ». Les EST contenant les SNP ont été classés dans 14 catégories fonctionnelles principales. Au travers de la validation, 91 SNP ont été confirmés ; leur fréquence dans les régions codantes et non codantes a été évaluée, et leurs positions dans l'ORF ainsi que la fréquence de SNP synonymes et non synonymes a été déterminée. Les paramètres de diversité des nucléotides et des haplotypes pour les SNP validés ont été calculés. La diversité génétique basée sur les haplotypes et le contenu d'information polymorphique (PIC) allaient de 0,559 à 0,56 et de 0,115 à 0,12 respectivement. De plus, nous avons démontré l'avantage de la prise en compte de la structure des haplotypes pour chaque locus au lieu de SNP uniques. Le nombre de haplotypes variait de quatre à seize selon les fragments de gènes, avec une moyenne de huit. La plupart des fragments de gènes avaient un haplotype majeur accompagné d'une série de haplotypes de faible fréquence. Ainsi, l'approche de reséquençage s'est avérée déterminante pour identifier des SNP utiles pour de vastes applications génétiques. En outre, la disponibilité de la séquence du génome du cacao devrait permettre de reséquencer une sélection positionnelle de fragments d'ADN, permettant ainsi de renforcer l'utilité des SNP découverts. En conclusion, nous recommandons ce système de marqueur codominant fonctionnel pour une identification à grande échelle du statut allélique des gènes de résistance du cacao, par une sélection assistée par marqueurs, pour permettre le développement de génotypes prometteurs avec une durabilité de résistance élevée à la maladie des balais de sorcières.

Mots-clés : Cacao, gènes de résistance, EST, SNP, *Moniliophthora perniciosa*, interaction plant-pathogène